



①9 **BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND**



**DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT**

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 199 09 251 A 1**

⑤1 Int. Cl.⁶:
A 61 K 38/17
C 07 K 14/435

DE 199 09 251 A 1

②1 Aktenzeichen: 199 09 251.6
②2 Anmeldetag: 22. 2. 99
④3 Offenlegungstag: 26. 8. 99

⑥6 Innere Priorität:
198 07 390. 9 21. 02. 98

⑦1 Anmelder:
Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin,
13125 Berlin, DE

⑦2 Erfinder:
Birchmeier, Walter, Prof., 16341 Schwanebeck, DE;
Kries, Jens-Peter von, Dr., 16341 Zepernick, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

⑤4 Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen, ausgehend von β -Catenin, seine Herstellung und seine Verwendung

⑤7 β -Catenin ist ein zentrales Molekül des Wnt-Signalweges. Erhöhung von β -Catenin in der Zelle führt zur Translokation in den Zellkern und zur Interaktion mit Transkriptionsfaktoren der LEF-1/TCF-Familie. Dies kann zu Kolonkarzinomen und Melanomen führen (onkogener Signalweg). β -Catenin interagiert aber auch mit den Tumorsuppressorgenen APC, Conductin und E-cadherin, die eine gegenteilige Wirkung auf die Zelle ausüben (anti-onkogene Wirkung).
Die Erfindung betrifft von LEF 1-/TCF-4 Transkriptionsfaktoren abgeleitete Peptide und analoge Moleküle in der Tumorthherapie, insbesondere zur Behandlung von Kolonkarzinomen und Melanomen. Diese Peptide und analogen Moleküle beeinflussen die Interaktion zwischen β Catenin und LEF-1/TCF. Anwendungsgebiete der Erfindung sind die pharmazeutische Industrie und die Medizin.
Wesentlicher Teil der Erfindung sind Peptide, die Teile der LEF-1-/TCF-4-Transkriptionsfaktoren umfassen, und ihre Varianten und Mutanten. Sie bestehen vorzugsweise aus 10-40 Aminosäuren aus dem N-terminalen Bereich von LEF-1 bzw. TCF-4. Im weiteren umfaßt die Erfindung Peptide oder analoge Moleküle, abgeleitet aus der Armadillo-Region von β Catenin, die als Interaktionsdomänen zu LEF-1/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin identifiziert wurden. Diese Peptide oder analogen Moleküle können ebenso die Interaktion zwischen β -Catenin und LEF-1/TCF hemmen, oder wie im Falle von APC oder Conductin, die Konzentration von β Catenin in der Zelle erhöhen. Diese letzteren ...

DE 199 09 251 A 1

Die Erfindung betrifft Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten beeinflussen. Darunter befinden sich von L β F-1/TCT-4-Transkriptionsfaktoren und von β -Catenin abgeleitete Peptide und ähnliche Moleküle.

Sie betrifft ferner ein Verfahren zur Auffindung solcher Substanzen sowie die Anwendung des Mittels, bevorzugt für die Therapie von Tumoren wie Kolonkarzinomen und Melanomen. Anwendungsgebiete der Erfindung sind demzufolge die pharmazeutische Industrie und die Medizin.

β -Catenin ist ein zytoplasmatisches Protein mit verschiedenen Funktionen in der Zelle. Im Komplex mit den Zelladhäsionsmolekülen der Cadherin-Familie stellt β -Catenin die Verbindung zum Zytoskelett her (Hülsken, J. et al., E-cadherin and APC compete for the interaction with beta-catenin and the cytoskeleton. J-Cell-Biol. 127: 2061-9, 1994). Zusätzlich ist β -Catenin eine Komponente der Wnt-Signaltransduktion, die in der Embryonalentwicklung eine große Rolle spielt. Der Transkriptionsfaktor L β F-1 wurde als Interaktionspartner von β -Catenin in dieser Signalkaskade identifiziert (Behrens, J. et al., Functional interaction of beta-catenin with the transcription factor L β F-1. Nature, 382: 638-42, 1996). Der Mechanismus der Signaltransduktion durch β -Catenin und L β F-1 ist geklärt: Er besteht in dem durch L β F-1 vermittelten Transport von β -Catenin in den Zellkern. Im Zellkern reguliert dieser Komplex die Genexpression durch die im Komplex veränderte, L β F-1 induzierte DNA-Biegung und durch die carboxy-terminale Transaktivierungsdomäne von β -Catenin. Inzwischen wurde gezeigt, daß auch andere Mitglieder der L β F-1/TCT-Familie von Transkriptionsfaktoren, z. B. TCT-4 diese Signaltransduktion vermitteln können (Korinek, V. et al., Constitutive transcriptional activation by a beta-catenin-Tcf complex in APC-/colon carcinoma. Science, 275: 1784-87, 1997).

Voraussetzung für diese β -Catenin-abhängige Signaltransduktion ist die Stabilisierung des zytoplasmatischen Pools von freiem, nicht Cadherin-gebundenem β -Catenin. Dieser Pool wird durch die Glykogen-Synthetase-Kinase 3 β , durch das Tumorsuppressor-Genprodukt APC sowie durch Conductin/Axin negativ reguliert.

Für Karzinome und Melanome wurde gezeigt, daß Mutationen im N-Terminus von β -Catenin oder in der β -Catenin-Bindungsdomäne von APC diese Regulation aufheben (Morin, P.J. et al., Activation of beta-catenin-Tcf signaling in colon cancer by mutations in beta-catenin or APC. Science, 275: 1787-90, 1997). Als Konsequenz wird der β -Catenin-Pool stabilisiert. In Melanomen führt diese Stabilisierung zur L β F-1 vermittelten Translokation von β -Catenin in den Zellkern, während in Kolonkarzinomen vor allem TCT-4 diese Funktion erfüllt. Die transkriptionelle Aktivität des Komplexes in Karzinom-Zelllinien wurde durch die Aktivierung eines Reportergens belegt. Darüber hinaus konnte gezeigt werden, daß diese Aktivität in APC-defizienten Kolonkarzinom-Zelllinien nach Wiedereinführung von APC inhibiert wurde. APC-Mutationen wurden in der überwiegenden Mehrheit von Kolonkarzinomen identifiziert, während nicht APC-defiziente Tumore Mutationen im β -Catenin-Gen aufweisen. Das Resultat dieser Mutationen von APC oder β -Catenin ist die Aktivierung der Signaltransduktion durch den β -Catenin-L β F-1/TCT-Komplex. Es unterstreicht die Schlüsselrolle von β -Catenin in der Tumorentstehung. Da APC-Mutationen als ein frühes Ereignis in der Entstehung von Kolontumoren identifiziert wurden, ist die Aktivierung des β -Catenin-L β F-1/TCT-Komplexes wahrscheinlich ein zentraler Schritt in der Tumorentstehung.

Es wurde bereits versucht, die Schlüsselrolle von β -Catenin in der Tumorentstehung für die Entwicklung von Tumorthapeutika auszunutzen. Nahezu zeitgleich wurden in den USA zwei Patentanmeldungen vorgenommen, die inzwischen als WO-Schriften veröffentlicht wurden. In WO 98/41631 (John Hopkins Universität - B. Vogelstein) wird die Beeinflussung von Interaktionen von β -Catenin, TCT-4 und dem Tumorsuppressor-Protein APC mit dem Ziel der Verhinderung von Krebsentstehung beansprucht. Dabei wurde gezeigt, daß Produkte von mutierten APC-Genen, die in Kolorektal-Tumoren nachgewiesen wurden, die β -Catenin/TCT-4-Transkriptionsaktivierung nicht mehr regulieren können. Weiterhin weisen Kolorektal-Tumore mit intakten APC-Genen Aktivierungsmutationen von β -Catenin im N-Terminus auf, was die Funktion der wichtigen Phosphorylierungsorte beeinflußt. Daraus wird abgeleitet, daß die Regulierung von β -Catenin für den Tumorsuppressorwirkung von APC kritisch ist und daß diese Regulierung durch Mutationen in APC oder in β -Catenin umgangen werden kann. Der Hauptanspruch betrifft das intronfreie DNA-Molekül, welches für TCT-4 kodiert.

WO 98/42296 (Onyx Pharmaceuticals Inc. - Rubinfeld) betrifft Zusammensetzungen und Methoden zur Diagnose und zur Behandlung von Krankheiten, die durch β -Catenin/Transkriptionsfaktor-Interaktionen ausgelöst werden. Der Hauptanspruch betrifft das isolierte, stabilisierte β -Catenin und seine Fragmente, solche Fragmente sind allerdings nicht angegeben worden.

Die hier beschriebene Erfindung hat zum einen das Ziel, neue Mittel zur Behandlung von Karzinomen bzw. aberranter Gewebs- und Organentwicklung zur Verfügung zu stellen. Ihr liegt die spezielle Aufgabe zugrunde, die Interaktion von β -Catenin mit L β F-1/TCT-Transkriptionsfaktoren als Voraussetzung der Translokation und der Aktivität des Komplexes im Zellkern zu beeinflussen. Diese Modulation soll spezifisch sein, d. h. darf mit anderen Interaktionen von β -Catenin (z. B. mit APC, Conductin oder E-cadherin) nicht interferieren. Ein Ziel der Erfindung besteht außerdem darin, ELISA-Verfahren zur Durchmusterung von Substanzbibliotheken zur Auffindung von Molekülen (u. a. Peptiden, organischen Verbindungen) zu entwickeln, die hochspezifisch nur jeweils eine Interaktion des β -Catenin beeinflussen.

Die Erfindung wird gemäß den Ansprüchen realisiert, die Unteransprüche sind Vorzugsvarianten.

In der ersten Realisierung der Erfindung wurden die Bindungsdomänen der L β F-1/TCT-Transkriptionsfaktoren für β -Catenin identifiziert (Abb. 1). Sie sind Ausgangspunkt für die Gewinnung der erfindungsgemäßen Peptide und ähnlicher Moleküle. Diese Peptide bestehen bevorzugt aus 10-20 Aminosäuren langen Sequenzen aus dem N-terminalen Bereich von L β F-1 bzw. TCT-4 (Abb. 2). Besonders bevorzugt sind es die Peptide

bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 11-34 von L β F-1 (Abb. 1) folgender Sequenz GDPHLCATDEIMPIFKDEGDPOKEK

bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 14-27 von L β F-1 folgender Sequenz ELCATDEIMPIFKDE

bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 7-29 von TCT-4 (Abbildung 2) folgender Sequenz GGDIIGAN-

DELISKDHFQHEK

bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 10-23 von TCF-4 folgender Sequenz DLGANDELISKDF

Bevorzugt sind ferner Peptide, in denen die sauren Aminosäuren im Abstand von 5 Aminosäuren angeordnet und durch hydrophobe und basische Aminosäuren flankiert sind (**Abb. 2**).

Diese Peptide können gemäß der Erfindung für die Tumorthherapie eingesetzt werden, wofür zwei prinzipielle Wege möglich sind.

a) Verwendung der Peptide als solche

Ein direkter Einsatz der Peptide für die Behandlung von Tumoren kommt wegen ihrer Instabilität gegenüber Proteasen und wegen des Mangels an Membranpermeabilität im allgemeinen nicht in Betracht. Eine Stabilisierung erfolgt durch Kopplung mit einem zweiten Peptid, wofür das sog. Antennapedia-Peptid RQIEIWIQNRRMIWIEE hervorragend geeignet ist. Dieses Peptid ist in der Lage, bis zu 100 Aminosäuren lange angekoppelte Peptide durch Zellmembranen in das Zytoplasma und den Zellkern zu transportieren. Die gekoppelten Peptide können vorteilhaft in der Tumorthherapie eingesetzt werden.

b) Verwendung der Peptide zum Drugdesign (Peptidmimikry)

Die erfindungsgemäßen Peptide dienen auch als Grundlage zum Design von Substanzen, die durch gezielte Modifikation die Stabilität und Wirksamkeit in der Zelle erhöhen ("Peptidomimetics"). Beispielsweise kann das durch Einführen reaktiver Gruppen, Austausch von Aminosäuren oder Einführung nichthydrolysierbarer peptidähnlicher Bindungen erfolgen.

Durch den Austausch des Kohlenstoffgerüsts der Peptide gegen synthetische Kohlenstoffgerüste mit gleicher Anordnung von funktionellen Gruppen kann die Stabilität der Moleküle ebenfalls erhöht werden (Non-Peptidomimetics). Dieses molekulare Mimikry der biologischen Aktivität der von der minimalen Bindungsdomäne von LEF-1/TCF für β -Catenin abgeleiteten inhibitorischen Peptide (**Abb. 3 und 4**) ermöglicht die Produktion potenterer Wirkstoffe für die Tumorthherapie.

In einem zweiten Schritt zur Realisierung der Erfindung wurden die Regionen von β -Catenin identifiziert, die für die spezifischen Bindungen zu LEF-1/TCF-4, APC (20 und 15 Aminosäuren-Repeats enthaltende Domänen), Conductin und E-Cadherin verantwortlich sind. Es wurde gefunden, daß diese Regionen zum Teil überlappen und die Armadillo-Domänen 3-8 von β -Catenin betreffen (**Abb. 5 und 6**). Der Kernpunkt dieses Schritts besteht darin, daß Mutationen von β -Catenin erzeugt wurden, welche spezifische Interaktionen zu einzelnen Partnern verhindern. Es handelt sich im einzelnen um folgende Mutationen, bezogen auf die in der Anlage beschriebene Teilsequenz von β -Catenin (Tab. 1):

Ile 470, Arg 469: Keine Interaktion mit LEF-1/TCF-4

Trp 383: Keine Interaktion mit APC 20aa

Arg 386: Keine Interaktion mit APC 15aa

Phe 253, Arg 274, Trp 338: Keine Interaktion mit Conductin

Damit ist die Möglichkeit gegeben, Peptide und analoge Moleküle zu generieren, die spezifisch die Interaktionen von β -Catenin mit APC, β -Catenin mit Conductin oder β -Catenin mit E-Cadherin hemmen. Diese Moleküle eignen sich ebenso zur Generierung neuer Pharmaka. Dazu werden potentielle Kandidaten für eine cancerostatische Wirksamkeit mit β -Catenin und z. B. LEF-1 unter Bedingungen in Kontakt gebracht (z. B. in einem ELISA), bei denen diese Proteine eine Bindung eingehen. Es wird dann gemessen, in welchem Maße diese Bindung durch die zugesetzte Substanz gehemmt wird.

Die Wnt-Signaltransduktion und ihre Komponenten spielen ebenfalls eine Rolle bei der Entwicklung und Erhaltung von Geweben und Organen, z. B. von bestimmten Regionen des Gehirns, der Extremitäten, der Niere sowie der Haut. Die gewebsspezifische Ausschaltung des β -Catenin-Gens in der Maus zeigt, daß β -Catenin für die Entwicklung der Haut und insbesondere der Haare von Bedeutung ist. Dadurch erstreckt sich die Erfindung auch auf Verfahren der Förderung der Haut- und Haarentwicklung durch erhöhte Expression von β -Catenin (oder von stabilerem β -Catenin). Das kann man beispielsweise durch Inhibition der Interaktion mit APC oder Conductin erreichen.

So können erfindungsgemäß spezifische Inhibitoren der β -Catenin/APC- oder der β -Catenin/Conductin-Interaktion genutzt werden, um in Zellen und Geweben erhöhte β -Catenin-Konzentrationen zu erreichen. Ebenso fördert Conductin, das ein analoges Protein zu Axin ist, den Abbau von β -Catenin. Inhibitoren der β -Catenin/APC- und β -Catenin/Conductin-Interaktion kann eingesetzt werden, um in Organentwicklungsvorgänge einzugreifen. Z.B. könnte so die Haarentwicklung beim Menschen lokal gefördert werden.

Im Einzelnen wurden folgende Untersuchungen durchgeführt.

1. Charakterisierung des minimalen Bindungsdomäne von LEF/TCF für β -Catenin

Zur Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne wurde das "Hefe-2-Hybrid-System" eingesetzt (**Abb. 1**). Die minimale Bindungsdomäne konnte auf die N-terminalen Aminosäuren 11-27 von LEF-1 begrenzt werden, welches den Aminosäuren 7-29 in TCF-4 entspricht (**Abb. 2**). Die Interaktion von N-terminalen LEF-1 Fragmenten mit β -Catenin wurde anhand der Aktivierung eines lacZ-Reportergens bestimmt (s. Ausführungsbeispiel).

Im ELISA mit synthetischen Peptiden wurde gezeigt, daß entsprechende Peptide (11-34, 14-27) die β -Catenin/LEF-1-Komplexbildung spezifisch inhibieren. Analoges gilt für die TCF-4 Peptide 7-29 und 10-23 bezüglich der β -Catenin/TCF-4-Komplexbildung (**Abb. 2**).

Die für die Inhibition essentiellen Aminosäuren wurden durch Synthese mutanter Peptide identifiziert (**Abb. 2**). Für die Funktion der Peptide ist eine symmetrische Anordnung von sauren Aminosäuren (Asparaginsäure und Glutamin-

säure) im Abstand von 5 Aminosäuren flankiert durch hydrophobe Aminosäuren (Leucin, Isoleucin) und eine basische Aminosäure (Lys) wesentlich. Der Austausch von Phenylalanin oder Lysin durch Alanin hebt die Inhibition durch das Peptid ebenfalls auf. Die Bedeutung der sauren und aromatischen Aminosäurereste wurde im Kontext des gesamten LEEF-1 Moleküls durch einen Kern-Translokationstest (**Abb. 4**) von endogenem β -Catenin und durch einen Transaktivierungstest in Säugerzellen bestätigt.

2) Charakterisierung der Interaktionsdomäne von β -Catenin für LEEF-1, APC, Conductin und E-Cadherin

Die Armadillo-Region von β -Catenin wurde von Huber et al. 1997 kristallisiert und durch Röntgen-Kristall-Strukturanalyse charakterisiert. Eine basische Grube konnte identifiziert werden, die für die Interaktion mit den sauren Aminosäuren von LEEF-1 (siehe oben) verantwortlich sein könnte. Es wurden deshalb basische (Lys, Arg, His) sowie einige aromatische (Trp) Aminosäuren in den Armadillo-Wiederholungseinheiten 3-9 von β -Catenin mutiert (**Abb. 5**). Es wurde darauf geachtet, daß vor allem freie Aminosäurereste der Helices 3, die die Basis der Grube bilden, sowie einige Aminosäurereste des einen Randes (Helix 1) mutiert wurden. Die mutanten β -Catenine wurden darauf getestet, ob sie noch mit den Interaktionspartnern LEEF-1/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin interagieren (Tab. 2). Durch dieses Verfahren konnten kritische Aminosäurereste von β -Catenin identifiziert werden, die für spezifische Interaktionen von Bedeutung sind (**Abb. 5** und 6). Es ist dadurch gelungen, spezifische Regionen von β -Catenin für die einzelnen Interaktionspartner zu identifizieren (**Abb. 6**). Diese Regionen sind für die Identifizierung von Molekülen wichtig, welche spezifisch die Interaktion von β -Catenin für LEEF-1, APC, Conductin oder E-cadherin beeinflussen.

Der Befund, daß die Bindungsdomänen von β -Catenin mit LEEF-1/TCF, APC, Conductin und E-Cadherin partiell überlappen, ist essentiell für die Selektion neuer Therapeutika. Die Selektion wird z. B. folgendermaßen durchgeführt: Es werden Substanzbibliotheken darauf getestet, ob sie spezifisch die Interaktion von β -Catenin mit LEEF-1/TCF, von β -Catenin mit APC (20 oder 15 Aminosäure-Repeats), von β -Catenin mit Conductin oder von β -Catenin mit E-Cadherin beeinflussen. Im weiteren werden Peptide oder ähnliche Oberflächenstrukturen der Armadillo-Region 3-8 von β -Catenin generiert, die durch Mutation von β -Catenin identifiziert wurden, und diese werden anschließend auf ihre Wirkung auf die Bindung der verschiedenen Interaktionspartner getestet.

Die Interaktion mit LEEF-1/TCF-4 ist onkogener Natur, d. h. fördert potentiell die Krebsentstehung, die Interaktionen mit APC, Conductin und E-Cadherin sind potentiell antionkogen, d. h. sie inhibieren die Krebsentstehung. Jede neue Substanz, die in den Wnt-Signalweg eingreift, muß deshalb sorgfältig auf ihre spezifische Wirkung getestet werden. Die hier vorgestellte Charakterisierung der Bindungsdomäne von β -Catenin stellt dafür die Grundlage dar. Substanzen, die spezifisch die β -Catenin/LEEF-1/TCF-4-Interaktion vermindern, sind deshalb potentielle Anti-Krebs-Therapeutika. Substanzen, die die Interaktion zu APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen, fördern potentiell den Wnt-Signalweg und können zur verstärkten Gewebeentwicklung, z. B. zur Förderung des Haarwuchses eingesetzt werden.

Die Erfindung soll nachfolgend durch Ausführungsbeispiele näher erläutert werden.

1. Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne von LEEF-1 für β -Catenin

Die Interaktion von Teildomänen von LEEF-1 mit β -Catenin wurde im Hefe-2-Hybrid System durch Bestimmung der β -Galaktosidase-Aktivität nach Angaben des Herstellers (Clontech) analysiert (**Abb. 1**). Für diesen Zweck wurde die für die N-terminalen Teildomänen von LEEF-1 kodierende DNA in die Klonierungsstelle des Lex-A DNA-Bindungsdomäne enthaltenden Vektors BTM116 inseriert und durch Sequenzierung überprüft. Die DNA-Fragmente von LEEF-1 wurden durch Polymerase-Kettenreaktion (PCR) und Inkubation mit Restriktionsendonukleasen hergestellt. Die β -Catenin kodierende DNA wurde in den Vektor pGAD424 (Clontech) für die Aktivierungsdomäne von GAL4 kloniert (Behrens et al. 1996). Für den Vergleich der Interaktion der Hybride wurden die β -Galaktosidase-Aktivitäten unabhängiger Experimente gemittelt.

Die Spezifität der Interaktion der LEEF-1-Hybride mit β -Catenin wurde anhand der β -Galaktosidase-Aktivität von Hefen, die die LEEF-Hybride und die GAL-4 Aktivierungsdomäne ohne β -Catenin herstellten, kontrolliert (**Abb. 1**). Die Expression der LEEF-1 Hybride wurde im Immunoblot mit Hefezell-Lysaten durch Antikörper (Clontech) gegen die Lex-A-Domäne der Hybride kontrolliert. Für die Herstellung der Lysate wurden gleiche Hefemengen nach Bestimmung der optischen Dichte der Kulturen eingesetzt.

2. Charakterisierung der β -Catenin Bindungsdomäne von LEEF-1 im Test auf den Kerntransport

Durch in vitro Mutagenese der cDNA von LEEF-1 wurden Punktmutationen in der Bindungsdomäne von LEEF-1 für β -Catenin eingeführt. Die Mutagenese erfolgte mit dem "Transformer Site-Directed Mutagenesis Kit" der Firma Clontech nach Angaben des Herstellers. Folgende Aminosäuren wurden durch Alanin substituiert: Glu 14, Asp 19, Glu 20, Phe 24, Lys 25, Asp 26 und Glu 27. Die Mutanten wurden durch Sequenzierung überprüft und in den Vektor pCG-LEEF-1 (Behrens et al. 1996) kloniert. Nach Transfektion von MDCK-Zellen mit LEEF-1 oder seinen Mutanten, wurde die Translokation von endogenem β -Catenin in den Zellkern mit immunocytoologischen Methoden analysiert. Hierfür wurden je 2.5×10^5 MDCK-Zellen mit pCG-LEEF-1 transfiziert. Die Immunodetektion von LEEF-1 erfolgte mit Anti LEEF-1 Serum aus Kaninchen und Cy2-konjugierten Anti-Kaninchen Antikörpern, die Detektion von β -Catenin erfolgte mit monoklonalen Antikörpern und Cy3-konjugierten Anti-Maus Antikörpern (**Abb. 4A**).

3. Charakterisierung und Quantifizierung inhibitorischer Peptide im ELISA

Für die Quantifizierung der Inhibition der LEEF-1/ β -Catenin Interaktion durch synthetische Peptide wurden beide Proteine in Bakterien rekombinant mit N-terminalen Histidin-Sequenzen hergestellt und durch Nickel-Chromatographie gereinigt (Behrens et al. 1996). Die Peptide wurden von der Firma Biosyntan mit dem PSSM-8 Automaten (Shimadzu, Ja-

pan) unter Verwendung der Fmoc/But-Strategie hergestellt (H. Atherton und R.C. Sheppard, 1989 IRL Press, Oxford: "Solid phase peptide synthesis - a practical approach"). Ca. 50 ng LIF-1 wurde an den Näpfen von ELISA-Platten für 90 Minuten bei Raumtemperatur adsorbiert. Anschließend wurden die Näpfe mit 5% Magermilch-Pulver in PBS für 16 Stunden bei 40 °C abgedeckt. Alle weiteren Schritte erfolgten bei Raumtemperatur in PBS mit 50 mM Tris HCl (pH 7.5). Nach dem Waschen der Näpfe mit PBS wurden die Peptidverdünnungen zugegeben. Die Inkubation mit 50-100 ng β -Catenin wurden für 10 Minuten in Gegenwart von 200 mg/ml BSA durchgeführt. Die Komplexbildung von LIF-1 und β -Catenin wurde durch den Antikörper PA2 gegen den Carboxy-Terminus von β -Catenin nachgewiesen (Hülken et al. 1994). PA2 wurde für 1,0. Minuten in einer Titerverdünnung von 1 : 5000 in 3% Magermilchpulver in PBS zugegeben. Nach dem Waschen der Näpfe mit PBS erfolgte die Quantifizierung durch Peroxidase konjugierte Nachweisantikörper (1 : 2500) in 3% Magermilchpulver in PBS, Dianova) und den Umsatz von o-Phenylendiamin durch photometrische Messung bei 405 nm bestimmt. Die Peptide wurden in Konzentrationen von 100 μ M bis 0,3 μ M eingesetzt. Zur Kontrolle der Spezifität der Inhibition der Interaktion von LIF-1/ β -Catenin wurde β -Catenin in den Näpfen adsorbiert und mit den gleichen Antikörpern in Gegenwart und Abwesenheit der Peptide nachgewiesen (Abb. 2 und 3).

Für die Mutationsanalyse der Peptide wurden bei der Synthese die angegebenen Aminosäuren durch Alanin ersetzt. Die Quantifizierung der Inhibition der Komplexbildung von β -Catenin und LIF-1 erfolgte wie bereits beschrieben (Abb. 2).

4) Herstellung und Testen von Mutanten von β -Catenin, die die Interaktion zu LIF-1, APC, Conductin oder E-cadherin modulieren

Die Mutagenese von β -Catenin in den Armadillo-Repeats 3-8 wurde mit dem "Mutagenese Kit" der Firma Clontech nach dem Protokoll des Herstellers durchgeführt und die Mutanten durch Sequenzierung überprüft (Abb. 5). In allen Mutanten wurde die ursprüngliche Aminosäure durch Alanin substituiert. Für die Analyse der Interaktionen wurde die für die Aminosäuren Leu218-Leu781 kodierende cDNA von humanen β -Catenin (Armadillo-Repeat 3 bis zum C-terminalen Ende des Proteins) oder seinen Mutanten in den Fusionsvektor für die Aktivierungsdomäne von Gal-4 (pGAD424, Clontech) kloniert. Die cDNA für die Bindungsdomänen der Interaktionspartner wurde in den LexA-Fusionsvektor B1M116 kloniert. Hierfür wurde die cDNA von LIF-1 für die Aminosäuren 1-99, von Conductin für die Aminosäuren Ala342-Arg465, von humanen APC für die Aminosäuren His1012-Glu1215 (APC 15 Aminosäure-Repeats) und für die Aminosäuren Ser1259-Asp1400 (APC 20 Aminosäure-Repeats) und von E-Cadherin für die Aminosäuren Gln773-Asp884 (cytoplasmatische Domäne) mit entsprechenden Primern PCR amplifiziert. Die Interaktion der LexA-Hybride mit β -Catenin und seinen Mutanten wurde anhand der β 3-Galaktosidase Reporteraktivität im Hefe 2-Hybrid System (Protokoll: "Matchmaker", Clontech) quantifiziert (Tab. 2 und Abb. 6).

Figuren Legenden

Abb. 1

Identifizierung der minimalen Bindungsdomäne von LIF-1 für β -Catenin

Die Interaktion von Teilen der Bindungsdomäne von LIF-1 mit β -Catenin wurde anhand der β 3-Galaktosidase-Reporteraktivität im Hefe-2-Hybrid System analysiert. Deletion C-terminaler Aminosäuren von LIF-1 bis zum Glu27 und N-terminaler Aminosäuren bis zum Gly10 führt zu keinem Verlust der Bindung (11-27), während weitere Deletionen die Interaktion verhindern (11-23, 17-34). Die minimale Bindungsdomäne von LIF-1 für β -Catenin besteht demnach aus 17 Aminosäuren (11-27) und weist einen sauren Charakter auf. Die Teildomäne von LIF-1 aus Met 21 bis Val 56 zeigt, keine Bindungsaktivität zu β -Catenin.

Abb. 2

Charakterisierung der minimalen Bindungsdomäne von TCT-4 durch Inhibition der Bindung von β -Catenin an LIF-1 im ELISA

Synthetische Peptide aus dem N-Terminus von hTCT-4 mit Substitutionen für die angegebenen Aminosäurereste wurden auf ihre Fähigkeit getestet, die Interaktion von LIF-1 mit β -Catenin zu inhibieren. Substitution der sauren Aminosäurereste von Asp10, Asp15 und Asp22 von TCT-4 durch Alanin führt zur Aufhebung der Inhibition durch die entsprechenden Peptide. Substitution von Phe20 und Lys21 hat die gleiche Wirkung. Durch Deletion wurde eine saure, minimale Bindungsdomäne von TCT-4 für β -Catenin von 14 Aminosäuren Länge (Asp10 bis Glu23) identifiziert.

Abb. 3

Inhibition der Interaktion von LIF-1 und β -Catenin durch synthetische Peptide aus der minimalen Bindungsdomäne von LIF-1 im ELISA

Das synthetische Peptid aus der minimalen Bindungsdomäne von LIF-1 (10-34) hemmt die Interaktion von LIF-1 und β -Catenin im ELISA. Eine Reduktion der Komplexbildung auf 50% wird bei einer Peptid-Konzentration von 4 μ M gemessen, während ein Peptid von LIF-1 mit den Aminosäuren Ile35-Val56 die Komplexbildung nicht hemmt.

Abb. 4

Substitution saurer Aminosäure-Reste und von Phenylalanin in der minimalen Bindungsdomäne von LIEF-1 blockiert die Translokation von β -Catenin in den Zellkern

- 5 A. MDCK-Zellen wurden mit Wildtyp- und Mutanten von LIEF-1 transfiziert und die Translokation von endogenem β -Catenin in den Zellkern durch Immunfluoreszenznachweis überprüft. Substitution der sauren Aminosäure-Reste von Asp19, Glu20, Asp26 und Glu27 durch Alanin blockiert die Translokation von β -Catenin in den Zellkern; die Substitution der aromatischen Aminosäure Phe24 hat den gleichen Effekt. Die Substitution von Glu14 und Lys25 verhindert die Translokation nicht. Pfeile markieren die LIEF-1 transfizierten Zellen in der Immunodetektion für endogenes β -Catenin.
- 10 B. Vergleich der minimalen Bindungs-Domänen von LIEF-1 und TCT-4 mit den entsprechenden Positionen der Aminosäuren.

Abb. 5

- 15 Mutationen zu Alanin in der Armadillo-Domäne von β -Catenin, die zu einer Reduktion von mehr als 70% der Interaktion mit LIEF-1, APC, Conductin und E-Cadherin führen.
- Die Lokalisation der Mutationen in Bezug zum strukturellen Kontext (Helix 1-3, in Rahmen) ist dargestellt. Die Zahlen über den Aminosäuren in der Sequenz kennzeichnen die analysierten Mutanten. Farblich markiert sind die Mutanten mit mehr als 70%-Reduktion in der Interaktion für LIEF-1 (rot), APC (blau), Conductin (grün) und E-Cadherin (gelb). Grau unterlegte Aminosäuren stellen in allen Repeats konservierte identische und chemisch ähnliche Aminosäuren dar.

Abb. 6

- 25 Mutationen in der Armadillo-Domäne von β -Catenin, die spezifisch nur die Bindung von LIEF-1, APC, Conductin oder E-Cadherin verhindern
- Darstellung der Armadillo-Domäne Repeats 3-8 mit Mutationen, die eine Reduktion der jeweiligen Interaktion auf weniger als 30% (rot) oder auf 30-60% (gelb) aufweisen. Mit Pfeilen gekennzeichnet sind die Mutanten, die für die jeweilige Interaktion spezifisch sind: Arg469 und His470 für die Bindung von LIEF-1, Trp383 für APC (20 Aminosäure-Repeats), Arg386 für APC (15 Aminosäure-Repeats), Phe253, Arg274 und Trp338 für Conductin. Die Interaktionen wurden im Hefe 2-Hybrid System anhand der β 3-Galaktosidase Reporteraktivität bestimmt.

Tab. 1

Aminosäuresequenz der Armadillo-Repeats 3-8 von humanen β -Catenin

Tab. 2

Zusammenstellung aller β -Catenin-Mutanten mit weniger als 60% Bindungsaktivität zu den angegebenen Bindungsdomänen von LIEF-1, APC, Conductin und E-Cadherin.

Tab.1

Aminosäuresequenz des humanen β -Catenin (Armadillo-Repeats 3-8)

arm	3	(224-264)	HREGLLAIFKSGGIPALVKMLGSPVDSVLFYAITTLHNLLL
arm	4	(265-306)	HQEGA MAVRLAGGLQKMWALLNKTNVKFLAITTDCLQILAY
arm	5	(307-349)	GNQESKLIILASGGPQALVNIMRTYTYEKLWTTTSRVLKVLSV
arm	6	(350-390)	CSSNKPATVEAGGMQALGLHLTDPSQRLVQNCIWLRLNSD
arm	7	(391-429)	AATKQEGMEGLLGTLVQLLGSDDDINVVTCAGILSNLTC
arm	8	(430-473)	NNYKNKMMVCQVGGIEALVRTVLRAGDREDITEPAICALRHLTS

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

Interaktion von β -Catenin-Mutanten mit LEF-1, APC* (20 und 15 Aminosäure-Repeats), Conductin und E-Cadherin

β -Catenin Mutanten	arm. Einh.	Interaktion mit				
		LEF-1	APC-20	APC-15	Conductin	E-Cadherin
Phe 253	3	-	40	-	17	-
His 260	3	53	37	-	1	-
Arg 274	4	-	40	-	29	50
Lys 292	4	-	28	-	5	-
Trp 338	5	-	55	-	20	-
Arg 342	5	-	29	-	20	41
Lys 345	5	38	0	-	22	27
Lys 354	6	38	-	54	43	40
Trp 383	6	-	0	59	-	-
Arg 386	6	35	-	12	45	-
Lys 394	7	-	-	-	42	-
Lys 435	8	-	-	30	42	-
Arg 457	8	-	-	-	36	-
Arg 469	8	17	-	-	-	50
His 470	8	2	47	60	-	-

Die Werte geben den prozentualen Anteil der jeweiligen Interaktion mit Wildtyp- β -Catenin an. Durch gekennzeichnete Interaktionen entsprechen 60-100% der Wildtyp-Interaktion. Die Werte wurden in Hefe 2-Hybrid-Assays ermittelt.

Patentansprüche

1. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten beeinflussen.
2. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten hemmen.
3. Mittel zur Therapie von menschlichen Erkrankungen auf der Basis von Substanzen, die die Interaktion von β -Catenin mit Transkriptionsfaktoren und Tumorsuppressor-Genprodukten fördern.
4. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit LEF-1 beeinflusst.
5. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit TCF-4 beeinflusst.
6. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit APC* 15 bzw. APC* 20 Aminosäure-Repeats beeinflusst.
7. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit Conductin beeinflusst.
8. Mittel nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es die Interaktion von β -Catenin mit E-Cadherin beeinflusst.

9. Peptide, die Teile der LIEF-1/TCT-4-Transkriptionsfaktoren umfassen, und ihre Varianten und Mutanten.
10. Peptid nach Anspruch 9, bestehend aus 10-40 Aminosäuren langen Sequenzen aus dem N-terminalen Bereich von LIEF-1 bzw. TCT-4.
11. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 11-34 von LIEF-1 folgender Sequenz: GDPEICATDEMIPIKDEIGDPQKIEK 5
12. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 14-27 von LIEF-1 folgender Sequenz: ELCATDEMIPIKDEI
13. Peptid nach Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 7-29 von TCT-4 folgender Sequenz: GGDDLGANDIELISFKDEIGHQIEK
14. Peptid nach, Anspruch 9-10, bestehend aus den N-terminalen Aminosäuren 10-23 von TCT-4 folgender Sequenz: DLGANDIELISFKDEI 10
15. Peptid nach Anspruch 9-14, dadurch gekennzeichnet, daß sie saure Aminosäuren im Abstand von 5 Aminosäuren, die durch hydrophobe Aminosäuren flankiert sind, und eine basische Aminosäure enthalten.
16. Verwendung der Peptide gemäß Anspruch 9-15 zur Tumorthherapie, dadurch gekennzeichnet, daß die Peptide mit einem zweiten Peptid gekoppelt und danach in geeigneter Form appliziert werden. 15
17. Verwendung nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß als zweites Peptid das Antennapediapeptid RQHETWIFQRRMEWEE eingesetzt wird.
18. Verwendung nach Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß die Peptide und Bindungsregionen zur Erhöhung der Stabilität modifiziert werden (Peptidomimetics).
19. Verwendung der Peptide und Bindungsregionen gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß ihr Kohlenstoffgerüst gegen Kohlenstoffgerüste mit gleicher Anordnung von funktionellen Gruppen ausgetauscht wird (Non-Peptidomimetics). 20
20. Peptide und ähnliche Moleküle aus der Armadillo-Domäne (arm-Einheiten 3-8) von β -Catenin (Sequenz gemäß Anlage: Tabelle 1) und die Mutanten im Kontext des gesamten β -Catenin-Moleküls, die mindestens eine der spezifischen Interaktionsdomänen zu LIEF-1, TCT-4, APC, Conductin oder E-Cadherin umfassen. 25
21. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von His 470 und/oder Arg 469 sowie Fragmente davon umfassen (LIEF-1/TCT-4-Bindungsstelle).
22. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation His 470 und/oder Arg 469.
23. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin, die den Bereich von Trp 383 sowie Fragmente davon umfassen (APC-Bindungsstelle, 20 Aminosäure-Repeat). 30
24. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation Trp 383.
25. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von Arg 386 sowie Fragmente davon umfassen (APC-Bindungsstelle, 15 Aminosäure-Repeat).
26. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit der Mutation Arg 386.
27. Peptide und Bindungsregionen von β -Catenin nach Anspruch 20, die den Bereich von Arg 386, Phe 253, Arg 274, Trp 338 sowie Fragmente davon umfassen (Conductin-Bindungsstelle). 35
28. β -Catenin Mutanten nach Anspruch 20 mit einer oder Kombinationen von folgenden Mutationen: Arg 386, Phe 253, Arg 274, Trp 338.
29. Verwendung von Substanzen, die durch Peptidomimetics oder Non-Peptidomimetics aus den Ansprüchen 20-28 gewonnen werden. 40
30. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28 zum Aufbau von Mitteln zur Behandlung von Tumoren, Gewebe und Organschäden, z. B. von Haarausfall.
31. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28 zum Screening von Substanzen, die hochspezifisch eine der Interaktionen von β -Catenin mit LIEF/TCT, APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen oder verstärken. 45
32. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28, die die Interaktion von β -Catenin mit LIEF/TCT, APC, Conductin oder E-Cadherin hemmen, zur Tumorthherapie.
34. Verwendung der Peptide und ähnlicher Moleküle nach Anspruch 20-28, die die Interaktion von β -Catenin mit LIEF/TCT, APC, Conductin oder E-Cadherin fördern, zur Gewebe- und Organ-Regeneration (z. B. Haarwuchsförderung). 50
35. ELISA zur Durchmusterung von Substanzbibliotheken, auf Komponenten hin, die die Interaktion von β -Catenin mit LIEF-1/TCT, APC, Conductin und E-Cadherin beeinflussen.
36. ELISA nach Anspruch 35, enthaltend Peptide und Mutanten sowie ähnliche Moleküle nach den Ansprüchen 9-15, 20-28 zur Identifizierung von Substanzen zur Tumorthherapie, Gewebe- und Organregeneration. 55

Hierzu 6 Seite(n) Zeichnungen

- Leerseite -

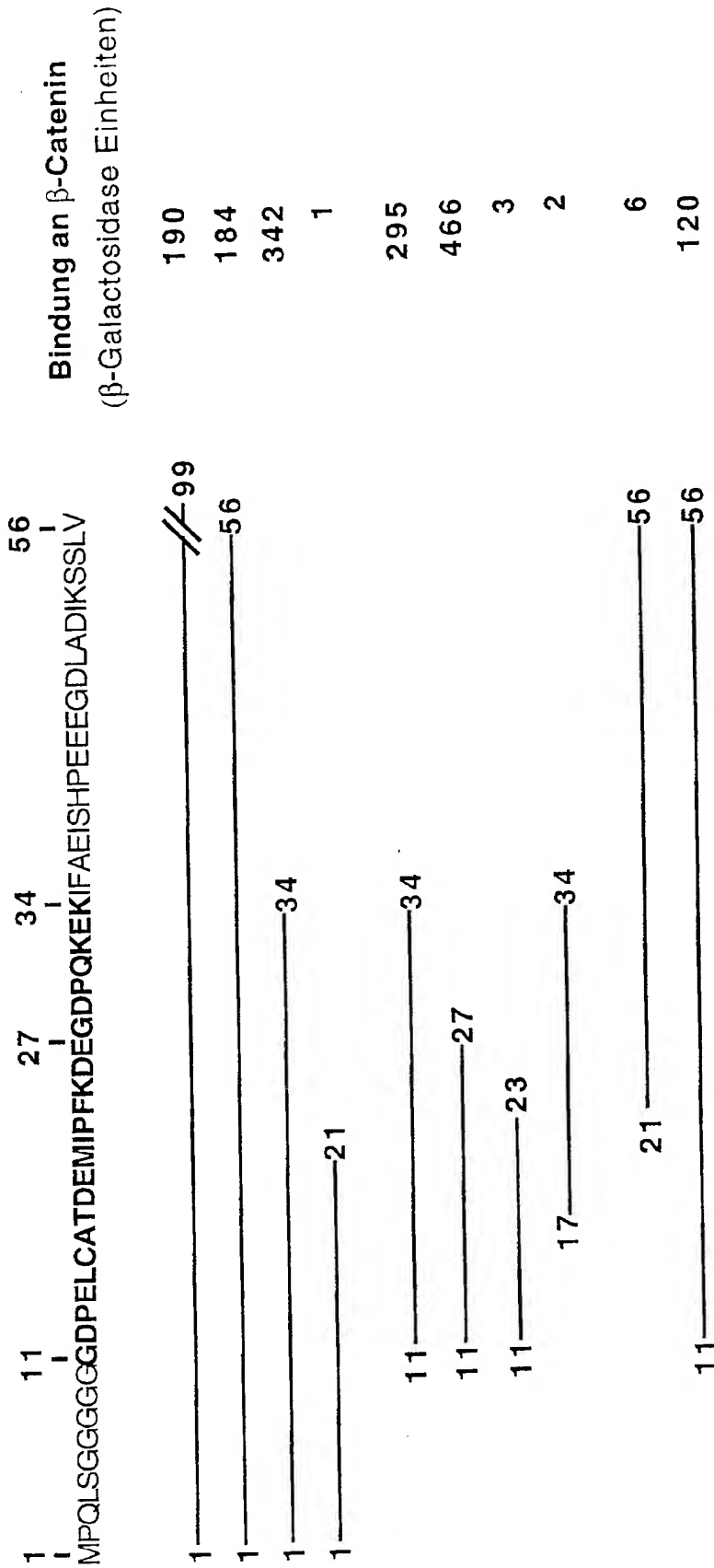
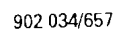


Abb.1



Inhibition der LEF-1/ β -catenin Interaktion durch synthetische Peptide aus der Minimalen Bindungs-Domäne

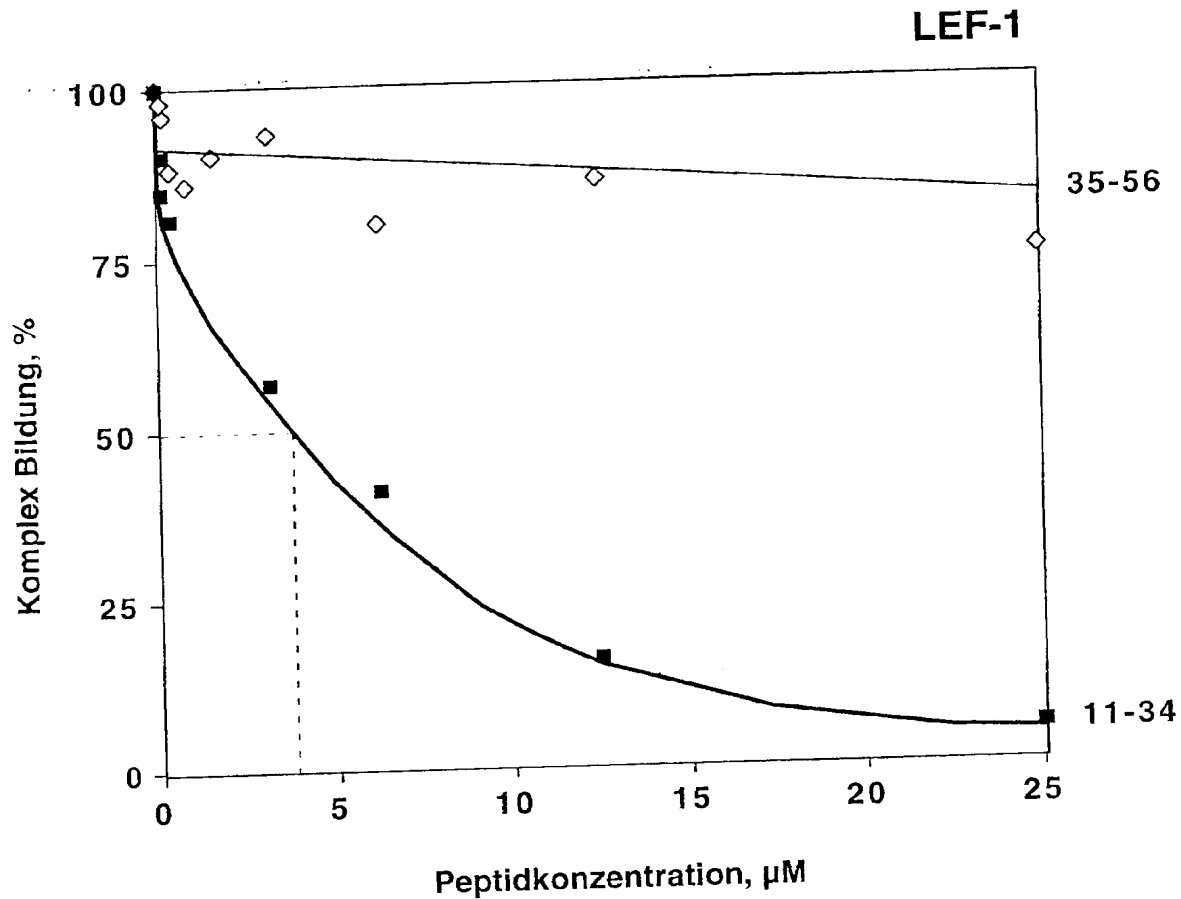
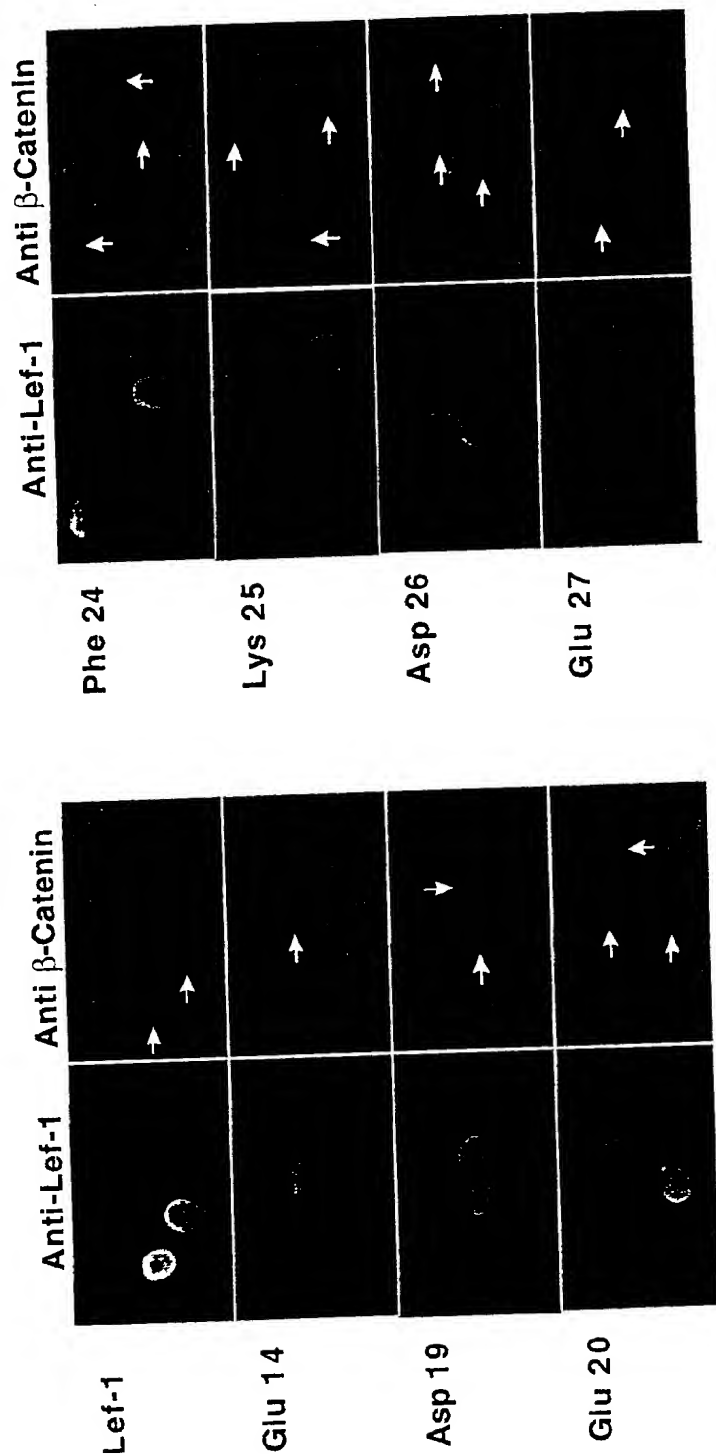
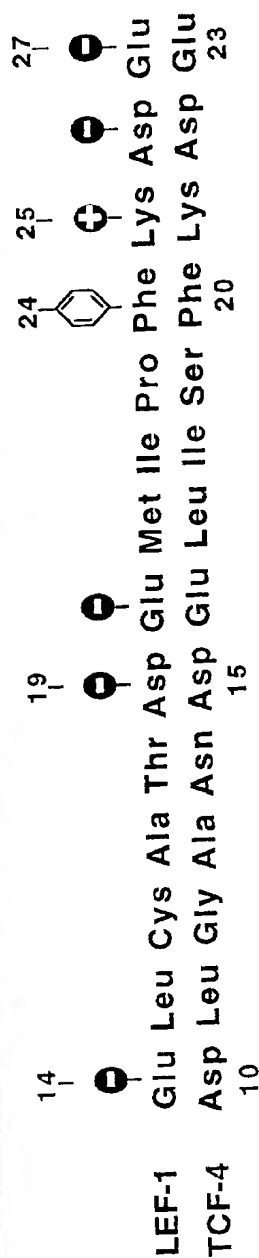


Abb. 3

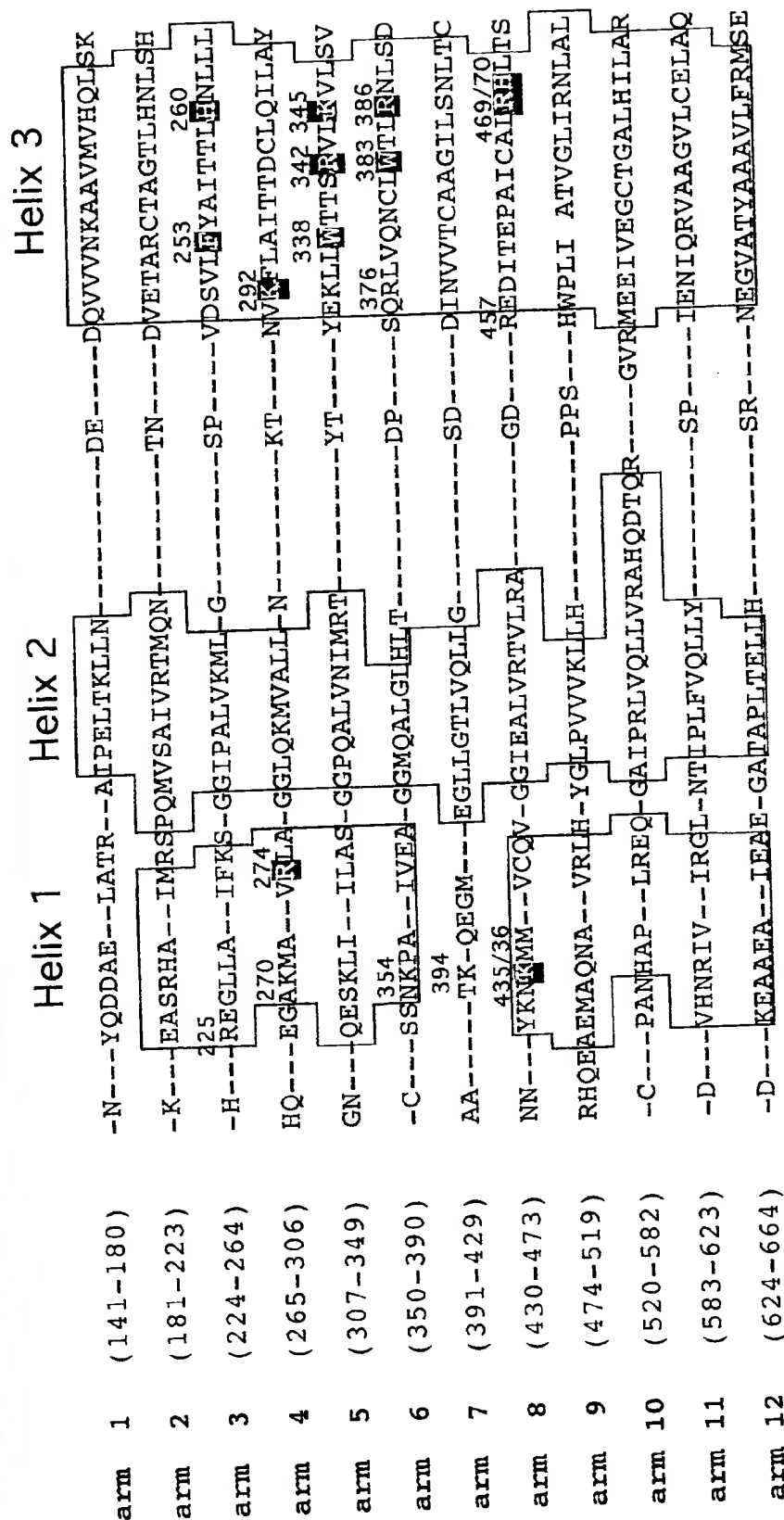
A



B



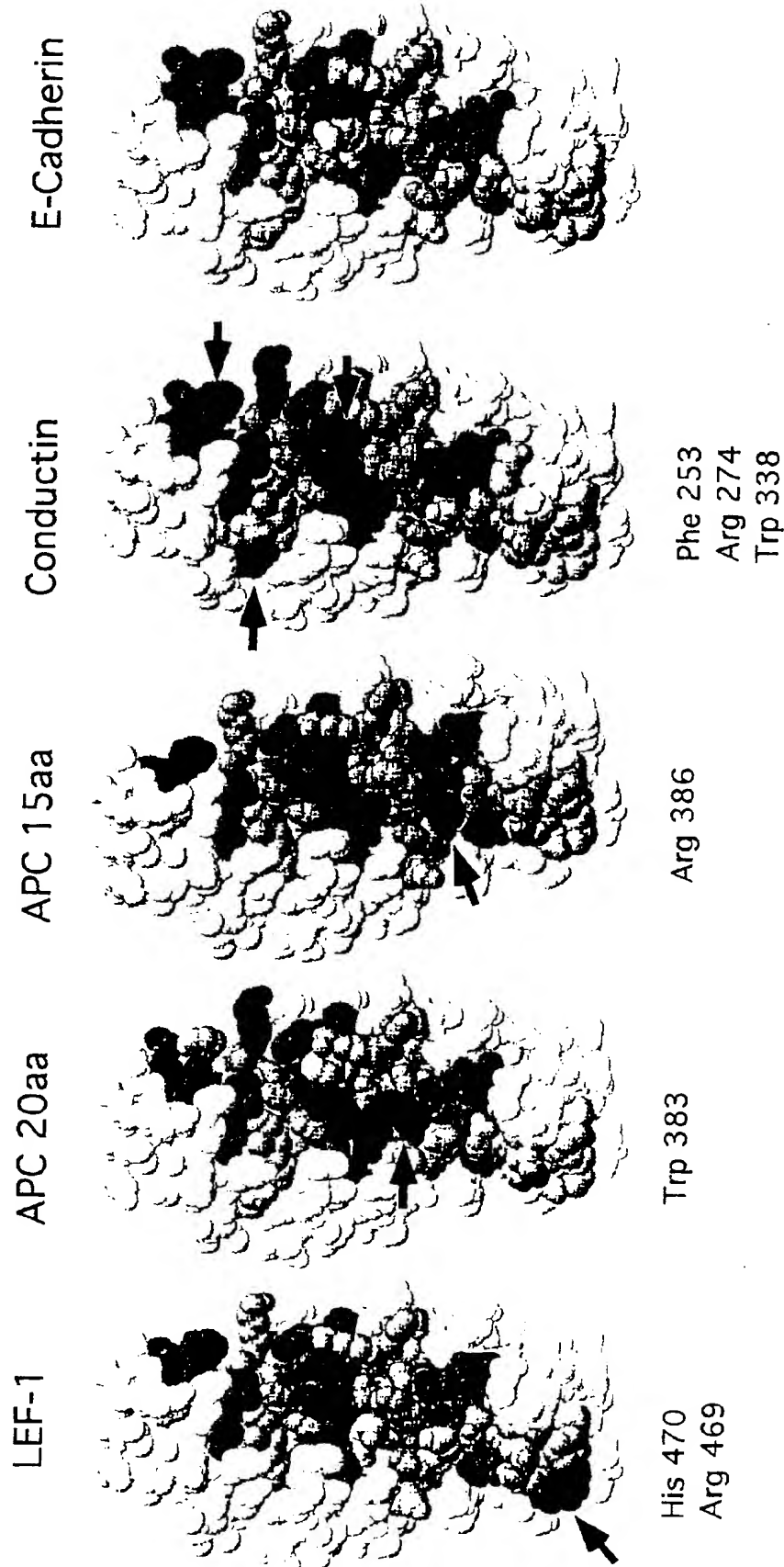
β-Catenin Mutationen mit < 30 % Transaktivierung



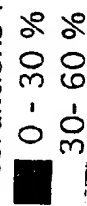
■ LEF-1
■ APC
■ Conductin
E-Cadherin

Abb. 5

Interaktion von β -Catenin Mutanten mit :



Interaktions-Reporteraktivität:



➡ : Mutation für Interaktionspartner spezifisch

Abb. 6